

Nomenclature for describing the genetic characteristics of wild-type measles viruses (update)

Part II¹

Global distribution of measles genotypes

Molecular virological surveillance activities must become part of routine surveillance for measles. The recent identification of new genotypes and the rate at which these have been found suggests that our understanding of the extent of genetic heterogeneity present among wild-type measles viruses is still far from complete. The quality of virological surveillance needs to be improved in all areas and standardization of laboratory methods will increase the utility of the molecular data.

¹ Part I appeared in No. 32 on 10 August 2001.

Nomenclature relative à la description des caractéristiques génétiques des virus rougeoleux sauvages (mise à jour)

Partie II¹

Distribution mondiale des génotypes rougeoleux

Les activités de surveillance virologique moléculaire devront faire partie de la surveillance de routine de la rougeole. L'identification récente de nouveaux génotypes et le rythme auquel on les a découverts laissent à penser qu'il reste beaucoup à apprendre sur l'étendue de l'hétérogénéité génétique au sein des virus rougeoleux sauvages. La qualité de la surveillance virologique doit être améliorée en toutes régions et la standardisation des méthodes de laboratoire permettra une meilleure utilisation des données moléculaires.

¹ La partie I a paru dans le N° 32 du 10 août 2001.

Table 2 provides a summary of current knowledge regarding the global distribution of measles genotypes, and shows genotypes that have been detected in areas with endemic measles, or frequent measles outbreaks. Also shown are countries that have endemic or widespread measles and have been identified as the source of importation of a particular genotype. In the latter cases, the circulation of a genotype has not been verified by virological surveillance in that country, but was inferred based on a consistent pattern of importations. For example, although genotype D3 viruses have never been isolated in the Philippines, there have been several instances of genotype D3 being detected in cases imported from the Philippines.

Le Tableau 2 résume les connaissances actuelles concernant la répartition mondiale des génotypes rougeoleux, et indique les génotypes qui ont été détectés dans des régions où la rougeole est endémique ou donne lieu à des flambées fréquentes. Le tableau montre également les pays où la rougeole est endémique ou répandue et qui ont été identifiés en tant que source d'importation d'un génotype particulier. Dans ce dernier cas, la circulation du génotype n'a pas été vérifiée par surveillance virologique dans le pays en question, mais a été déduite des données sur les importations. Par exemple, même si on n'a jamais isolé de virus du génotype D3 aux Philippines, on connaît plusieurs exemples de ce génotype chez des cas importés des Philippines.

Table 2. **Current knowledge of the global distribution of wild-type measles viruses**

Tableau 2. **Etat des connaissances sur la distribution mondiale des virus rougeoleux sauvages**

| Genotype Génotype | Countries with endemic measles or frequent outbreaks or countries identified as the source of imported cases, 1995-2001 Pays où la rougeole est endémique ou donne lieu à de fréquentes flambées ou pays identifiés comme source de cas importés, 1995-2001 |
|----------------------|--|
| B1 | Cameroon (based on isolates from the early 1980s) – Cameroun (d'après les isolements réalisés au début des années 80) |
| B2 | Gabon (based on isolates from the early 1980s) – Gabon (d'après les isolements réalisés au début des années 80) |
| B3 | Congo, Democratic Republic of the Congo, Gambia, Ghana, Kenya, Nigeria, Sudan – Congo, Gambie, Ghana, Kenya, Nigéria, République démocratique du Congo, Soudan |
| C2 | Czech Republic, Denmark, Germany, Luxembourg, Morocco, Spain – Allemagne, Danemark, Espagne, Luxembourg, Maroc, République tchèque |
| D2 | Ireland (outbreak in 2000), South Africa, Zambia – Afrique du Sud, Irlande (flambée en 2000), Zambie |
| D3 | Japan, Philippines ^a – Japon, Philippines ^a |
| D4 | Ethiopia, India, Iran (Islamic Republic of), Kenya, Namibia, Pakistan, Russian Federation, South Africa, Zimbabwe – Afrique du Sud, Ethiopie, Fédération de Russie, Inde, Iran (République islamique d'), Kenya, Namibie, Pakistan, Zimbabwe |
| D5 | Japan, Namibia, Thailand – Japon, Namibie, Thaïlande |
| D6 | Argentina, Brazil, Bolivia, Dominican Republic, Germany, Italy, ^a Luxembourg, Poland, Russian Federation, Spain, Turkey – Allemagne, Argentine, Brésil, Bolivie, Espagne, Fédération de Russie, Italie, ^a Luxembourg, Pologne, République dominicaine, Turquie |
| D7 | Germany, Spain – Allemagne, Espagne |
| D8 | Ethiopia, India, Nepal – Ethiopie, Inde, Népal |
| G2 | Indonesia, Malaysia – Indonésie, Malaisie |
| g3 ^b | East Timor – Timor oriental |
| H1 | China, Republic of Korea – Chine, République de Corée |
| H2 | Viet Nam |

^a Identified as source of imported virus only. – Seulement comme source de virus importé.

^b Proposed new genotype, pending isolation of reference strain. – Nouveau génotype proposé, dans l'attente de l'isolement de la souche de référence.

Virological and epidemiological data collected in the United States between 1989 and 2000 indicated that interruption of viral transmission was achieved in 1993 and subsequently maintained. Surveillance of viruses isolated from measles cases in the United States between 1994 and 2000 failed to detect ongoing transmission of an endemic genotype. Rather, the diversity of genotypes detected (11) in the past 7 years is indicative of multiple, imported sources of virus. Likewise, the diversity of genotypes detected in Australia, Canada and the United Kingdom is similar to that of the United States, suggesting frequent importation and lack of an endemic strain. In contrast, virological surveillance in

Les données virologiques et épidémiologiques recueillies aux Etats-Unis d'Amérique entre 1989 et 2000 indiquent que la transmission virale s'est interrompue en 1993 et n'a pas repris. La surveillance des virus isolés à partir de cas de rougeole aux Etats-Unis d'Amérique entre 1994 et 2000 n'a pas permis de détecter de transmission d'un génotype endémique. La diversité des génotypes détectés au cours des 7 dernières années (11 génotypes) indique au contraire l'existence de multiples sources importées de virus. De même, la diversité des génotypes détectés en Australie, au Canada et au Royaume-Uni est analogue à celle observée aux Etats-Unis, ce qui laisse supposer des importations fréquentes et l'absence de souche endémique. En revanche, la surveillance virologique dans

countries that have endemic transmission of measles indicated the presence of a limited number of endemic genotypes. Of course, virological surveillance is still poor in many areas.

Viral isolates obtained in western European countries belong to genotypes C2 and D6, and these genotypes have also been associated with imported cases of measles into other parts of the world. Clade B viruses are endemic in central and western Africa, while D2 and D4 viruses have been the most frequently detected genotypes in the southern and eastern parts of the African continent. Genotype D2 viruses were also detected in a recent outbreak in Dublin (Ireland). D4 viruses have been associated with imported measles cases from India and are circulating in India, Nepal and Pakistan. Viruses from genotypes D5 and D3 are circulating in Japan and D5 viruses have been associated with cases imported from Japan. Elsewhere in Asia, the wild-type measles viruses isolated in China and the Republic of Korea are in genotype H1.

Virological surveillance has improved in South America and the laboratories of the Pan American Health Organization have greatly expanded efforts to obtain viral isolates. Viruses in genotype D6 were responsible for the large measles outbreak in São Paulo (Brazil) in 1997 and D6 viruses have also been isolated from subsequent outbreaks in Rio de Janeiro (Brazil), Argentina, Chile, Bolivia and, most recently, the Dominican Republic. Virological surveillance will be increasingly important as this region moves toward elimination of measles.

Summary

Two areas of current research have the potential to improve the quality of virological surveillance of measles. A new highly sensitive cell line that does not secrete Epstein Barr virus is being tested as a replacement for B95a cells. Also, alternative protocols that simplify the logistics of specimen collection, such as dried blood spots, are being evaluated.

A list of literature references about measles molecular epidemiology is available from WHO upon request.² Periodic updates about the genetic characteristics of currently circulating strains and new genotypes will be published in the *WHO Measles Bulletin*³ and will be available via the Internet from the WHO strain bank at CDC.⁴ ■

² From featherstoned@who.int.

³ Quarterly publication available from VAB documentation centre, World Health Organization, 1211 Geneva 27, Switzerland.

⁴ <http://www.cdc.gov/ncidod/dvrd/revb/measles/>. For country codes please refer to <http://www.un.org/Depts/unsd/methods/m49.htm>.

des pays où la transmission de la rougeole est endémique indique la présence d'un nombre limité de génotypes endémiques. La surveillance virologique est toutefois encore insuffisante dans de nombreuses régions.

Les isolements viraux obtenus dans les pays d'Europe occidentale appartiennent aux génotypes C2 et D6, lesquels ont également été associés à des cas importés de rougeole dans d'autres parties du monde. Les virus appartenant au clade B sont endémiques en Afrique centrale et occidentale, tandis que les virus D2 et D4 sont les génotypes les plus fréquemment détectés dans les parties australe et orientale du continent africain. Des virus de génotype D2 ont également été détectés lors d'une récente flambée à Dublin (Irlande). Des virus D4 ont été associés à des cas de rougeole importés d'Inde et circulent en Inde, au Népal et au Pakistan. Des virus appartenant aux génotypes D5 et D3 circulent au Japon et des virus D5 ont été associés à des cas importés du Japon. Ailleurs en Asie, les virus rougeoleux sauvages isolés en Chine et en République de Corée appartiennent au génotype H1.

La surveillance virologique s'est améliorée en Amérique du Sud et les laboratoires de l'Organisation panaméricaine de la Santé ont multiplié leurs efforts pour se procurer des isolements viraux. Les virus du génotype D6 ont été responsables d'une vaste flambée de rougeole à São Paulo (Brésil) en 1997 et des virus D6 ont également été isolés à partir de flambées ultérieures à Rio de Janeiro (Brésil), en Argentine, au Chili, en Bolivie et, plus récemment, en République dominicaine. La surveillance virologique jouera un rôle croissant à mesure de la progression de cette région vers l'élimination de la rougeole.

Résumé

Deux domaines de recherche actuels sont susceptibles d'améliorer la qualité de la surveillance virologique de la rougeole. Une nouvelle lignée cellulaire hautement sensible qui ne sécrète pas le virus d'Epstein Barr est actuellement testée en remplacement des cellules B95a, et de nouveaux protocoles permettant de simplifier la logistique du recueil des échantillons, par exemple au moyen de prélèvements de sang séché, sont en cours d'évaluation.

Une liste bibliographique sur l'épidémiologie moléculaire de la rougeole peut être obtenue sur demande auprès de l'OMS.² Des mises à jour périodiques sur les caractéristiques génétiques des souches circulantes et des nouveaux génotypes seront publiées dans le *WHO Measles Bulletin*³ et pourront être consultées sur Internet sur la page de la banque de souches de l'OMS aux CDC.⁴ ■

² Auprès de featherstoned@who.int.

³ Publication trimestrielle en anglais seulement, disponible auprès du Centre de documentation de VAB, Organisation mondiale de la Santé, 1211 Genève 27, Suisse.

⁴ <http://www.cdc.gov/ncidod/dvrd/revb/measles/>. Pour les codes des pays prière de consulter <http://www.un.org/Depts/unsd/methods/m49.htm>.